Zawartość zarchiwizowana w dniu 2023-03-06

Nowa i udoskonalona sekwencja genomu myszy pomaga odróżnić człowieka od myszy

Naukowcy ze Szwecji, Wielkiej Brytanii i USA zaprezentowali radykalnie udoskonaloną wersję kompletnego genomu myszy w ramach przełomowych badań, które umożliwią wyraźniejsze odróżnienie genów człowieka od genów myszy. Ich odkrycia, opisane w czasopiśmie PLoS Biology, pomogą zw...

Naukowcy ze Szwecji, Wielkiej Brytanii i USA zaprezentowali radykalnie udoskonaloną wersję kompletnego genomu myszy w ramach przełomowych badań, które umożliwią wyraźniejsze odróżnienie genów człowieka od genów myszy. Ich odkrycia, opisane w czasopiśmie PLoS Biology, pomogą zwiększyć przydatność myszy do modelowania chorób człowieka.

Zdaniem autorów mysz (Mus musculus) zajmuje wyjątkowe miejsce w badaniach genetycznych i genomicznych (badanie sekwencji DNA), i ma decydujące znaczenie dla badań chorób człowieka. "To podstawowy model zwierzęcy do badania chorób i rozwoju człowieka, a także genom ssaka, do którego DNA, geny i genom człowieka jest najczęściej porównywany" - czytamy w artykule.

Możliwość pracowania z precyzyjną sekwencją genomu w czasie prowadzenia badań biomedycznych jest niezwykle ważna dla naukowców. W 2002 r. ten sam zespół naukowców opublikował pierwszą wersję sekwencji genomu myszy opracowaną za pomocą WGSA (Whole Genome Sequence and Assembly). Opierając się na tej wiedzy, naukowcy po raz pierwszy byli w stanie porównać sekwencję DNA myszy i człowieka.

Niemniej pierwsza wersja sekwencji genomu miała 176.000 luk, a część genomu, jak się obecnie wydaje, była rozmieszczona nieprawidłowo. Zespół skoncentrował

swoje wysiłki na uzupełnieniu luk i ustawieniu wszystkiego we właściwym miejscu. "Jedynie uzupełnienie brakujących genów pozwoli nam uzyskać wszechstronną wiedzę na temat biologii odróżniającej te dwa gatunki" - napisali.

Naukowcy opisują teraz zespół genomu myszy, zwany "Build 36", którego jakość jest znacznie wyższa. Utworzono go poprzez wyrównanie nakładających się klonów, które odpowiadają częściom genomu, dzięki czemu udało się uzupełnić ponad 175.000 luk z pierwszej wersji. Wynik naświetlił architekturę genomu i dał pełniejszy obraz genów należących do myszy.

Naukowcy wskazują, że występuje więcej różnic genetycznych między dwoma gatunkami niż dotychczas sądzono - ludzie i myszy mają wspólne cztery piąte genów. Zrozumienie tych różnic umożliwi naukowcom precyzyjniej oddzielić geny wspólne dla ludzi i myszy od tych występujących wyłącznie u myszy.

"Z perspektywy czasu nasz poprzedni obraz genomu myszy był niekompletny. Dopiero po uzupełnieniu wszystkich brakujących fragmentów genomicznej układanki zdaliśmy sobie sprawę, że brakowało nam ogromnej liczby genów występujących jedynie u myszy, a nie u człowieka" - powiedział dr Leo Goodstadt z Rady Badań Naukowych (MRC) Jednostki ds. Genomiki Funkcjonalnej w Wielkiej Brytanii.

Wedle nowych badań opracowanie pierwszej wersji było stosunkowo tanie i łatwe do wykonania. Wiele innych genomów odczytano w takim samym stopniu. Niemniej koszt ukończenia odczytu genomu jest "zwykle co najmniej cztery razy wyższy od kosztu wygenerowania pierwszych odczytów za pomocą tradycyjnego sekwencjonowania metodą Sangera" - czytamy w artykule. Dalej autorzy piszą: "Jednak nasza analiza zakończonego odczytu genomu myszy wskazuje jasno, że pierwsza wersja uzyskana za pomocą WGSA zawsze będzie słabo obrazować biologię specyficzną dla danej linii".

"Te nowe odkrycia są niezwykle ważne, bowiem pomagają nam oddzielić geny, które stanowią fundament biologiczny, taki sam dla wszystkich ssaków, od genów decydujących o tym, że ludzie i myszy tak bardzo się różnią" - dodał profesor Chris Ponting z Uniwersytetu Oksfordzkiego w Wielkiej Brytanii.

Dr Deanna Church z Amerykańskiego Ośrodka Informacji Biotechnologicznej przy Narodowym Instytucie Zdrowia powiedziała, że świeżo opublikowany genom myszy "pozwoli nam odrzucić niektóre z powszechnie przyjętych błędnych wyobrażeń, a co ważniejsze, odkryć wiele wcześniej ukrytych sekretów biologii myszy".

Kraje

Szwecja, Zjednoczone Królestwo

Powiązane artykuły

Ostatnia aktualizacja: 27 Maja 2009

Permalink: https://cordis.europa.eu/article/id/30839-new-and-improved-mouse-genome-sequence-helps-separate-man-from-mouse/pl

European Union, 2025